

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

16.4.2004

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日 2003年 4月18日
Date of Application:

出願番号 特願2003-114381
Application Number:
[ST. 10/C]: [JP2003-114381]

RECD 10 JUN 2004
WIPO PCT

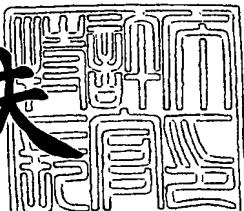
出願人 アークレイ株式会社
Applicant(s):

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2004年 5月27日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



【書類名】 特許願
【整理番号】 P-B0926
【提出日】 平成15年 4月18日
【あて先】 特許庁長官殿
【国際特許分類】 C12N 15/09
C12Q 1/68
【発明の名称】 β 3 アドレナリン受容体変異遺伝子の検出法ならびにそのための核酸プローブおよびキット
【請求項の数】 9
【発明者】
【住所又は居所】 京都府京都市南区東九条西明田町57 アークレイ株式会社内
【氏名】 平井 光春
【特許出願人】
【識別番号】 000141897
【氏名又は名称】 アークレイ株式会社
【代理人】
【識別番号】 100100549
【弁理士】
【氏名又は名称】 川口 嘉之
【選任した代理人】
【識別番号】 100090516
【弁理士】
【氏名又は名称】 松倉 秀実
【選任した代理人】
【識別番号】 100089244
【弁理士】
【氏名又は名称】 遠山 勉

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 192372

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【ブルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 β_3 アドレナリン受容体変異遺伝子の検出法ならびにそのための核酸プローブおよびキット

【特許請求の範囲】

【請求項1】 末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8～30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7～30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている前記核酸プローブ。

【請求項2】 核酸プローブが、配列番号8～12に示す塩基配列のいずれかを有する請求項1記載の核酸プローブ。

【請求項3】 一塩基多型の部位を有する核酸について、蛍光色素で標識された核酸プローブを用いて、蛍光色素の蛍光を測定することにより融解曲線分析を行い、融解曲線分析の結果に基づいて変異を検出する方法であって、一塩基多型は、 β_3 アドレナリン受容体をコードする核酸における、 β_3 アドレナリン受容体のアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換する変異をもたらす塩基配列の変異であり、核酸プローブは、請求項1または2に記載の核酸プローブである前記方法。

【請求項4】 試料に含まれる核酸における一塩基多型の部位を含む領域を増幅して一塩基多型を有する核酸を得ることを含む請求項3記載の方法。

【請求項5】 増幅をDNAポリメラーゼを用いる方法により行う請求項4記載の方法。

【請求項6】 増幅を核酸プローブの存在下で行う請求項5記載の方法。

【請求項7】 末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8～30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7～30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている前記

核酸プローブを含む、請求項3記載の方法のためのキット。

【請求項8】 核酸プローブが、配列番号8～12に示す塩基配列のいずれかを有する請求項7記載のキット。

【請求項9】 β_3 アドレナリン受容体をコードする核酸における、 β_3 アドレナリン受容体のアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換する変異をもたらす塩基配列の変異を含む領域を、DNAポリメラーゼを用いる方法で増幅するためのプライマーをさらに含む請求項7または8記載のキット。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、 β_3 アドレナリン受容体変異遺伝子の検出法およびそのためのキットに関する。

【0002】

【従来の技術】

β_3 アドレナリン受容体(B3AR)は白色脂肪細胞における脂肪分解と褐色脂肪細胞における熱生産に大きな役割を果たしている。このB3ARのアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換している変異(Trp64Arg)が存在すると安静時の代謝量が200kcal低下するといわれており、この変異と内蔵脂肪型肥満、インスリン抵抗性が関連しているといわれている。

【0003】

B3ARにTrp64Arg変異をもたらす塩基の変異(以下、「B3AR Trp64Arg変異」ともいう)が存在するとその部分に制限酵素の認識部位が出現するため、PCRで変異部分を含むように増幅を行い、制限酵素で切断し、その後電気泳動で切断されたかどうかを検出するという方法(PCR-RFLP)で検出を行うことが知られている。

。

【0004】

PCRは数分子の錆型から数10億倍もの分子を増幅するため、増幅産物がほんの少し混入した場合でも偽陽性、偽陰性の原因になり得る。PCR-RFLPはPCR反応後に増幅産物を取り出して制限酵素処理を行うという必要があるため、増幅産物が

次の反応系に混入する恐れがある。よって、偽陽性、偽陰性の結果が得られてしまうことがある。さらに、PCR終了後、制限酵素で処理を行い、その後電気泳動を行うため、検出に必要な時間も非常に長くかかるてしまう。また、操作が複雑なため、自動化が困難である。

【0005】

一方、一般に、変異を含む領域をPCRで増幅した後、蛍光色素で標識された核酸プローブを用いて融解曲線分析を行い、融解曲線分析の結果に基づいて変異を解析する方法が知られている（非特許文献1、特許文献1）。

【0006】

【非特許文献1】

クリニカルケミストリー(Clinical Chemistry)、2000年、第46巻、第5号、
p. 631-635

【特許文献1】

特開2002-119291号公報

【0007】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の課題は、B3AR Trp64Arg変異を検出するのに有効な消光プローブを特定し、B3AR Trp64Arg変異を検出する方法及びそのためのキットを提供することを課題とする。

【0008】

【課題を解決するための手段】

上述のプローブを用いる方法に関する文献においては、プローブの設計に関し、末端部が蛍光色素により標識された消光プローブが標的核酸にハイブリダイゼーションしたとき、末端部分においてプローブ-核酸ハイブリッドの複数塩基対が少なくとも一つのGとCのペアを形成するように設計するという教示があるのみである。本発明者らは、B3AR Trp64Arg変異に関し、上記条件を満たす消光プローブを設計し、検出を試みたが、容易に検出を可能とする消光プローブは得られなかった。

【0009】

本発明者らは、B3AR Trp64Arg変異を含む特定の領域に基づいて消光プローブを設計することにより、消光プローブを用いる融解曲線分析によりB3AR Trp64Arg変異を検出できることを見出し、本発明を完成した。

本発明は、以下のものを提供する。

【0010】

(1) 末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8~30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7~30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている前記核酸プローブ。

【0011】

(2) 核酸プローブが、配列番号8~12に示す塩基配列のいずれかを有する(1)の核酸プローブ。

【0012】

(3) 一塩基多型の部位を有する核酸について、蛍光色素で標識された核酸プローブを用いて、蛍光色素の蛍光を測定することにより融解曲線分析を行い、融解曲線分析の結果に基づいて変異を検出する方法であって、一塩基多型は、 β_3 アドレナリン受容体をコードする核酸における、 β_3 アドレナリン受容体のアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換する変異をもたらす塩基配列の変異であり、核酸プローブは、(1)または(2)の核酸プローブである前記方法。

【0013】

(4) 試料に含まれる核酸における一塩基多型の部位を含む領域を増幅して一塩基多型を有する核酸を得ることを含む(3)の方法。

【0014】

(5) 増幅をDNAポリメラーゼを用いる方法により行う(4)の方法。

【0015】

(6) 増幅を核酸プローブの存在下で行う(5)の方法。

【0016】

(7) 末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8~30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7~30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている前記核酸プローブを含む、(3)の方法のためのキット。

【0017】

(8) 核酸プローブが、配列番号8~12に示す塩基配列のいずれかを有する(7)のキット。

【0018】

(9) β_3 アドレナリン受容体をコードする核酸における、 β_3 アドレナリン受容体のアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換する変異をもたらす塩基配列の変異を含む領域を、DNAポリメラーゼを用いる方法で増幅するためのプライマーをさらに含む(7)または(8)のキット。

【0019】**【発明の実施の形態】****<1>本発明プローブ及び本発明検出方法**

本発明プローブは、末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8~30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7~30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されていることを特徴とする。

【0020】

本発明プローブは、配列番号1に示す塩基配列(β_3 AR Trp64Arg変異における野生型の塩基を有する配列)において塩基番号183から始まる8~30塩基長の塩基配列または配列番号2に示す塩基配列(β_3 AR Trp64Arg変異における変異型の塩基を有する配列)において塩基番号196で終わる7~30塩基長の塩基配列を有する

他は、特許文献1に記載された消光プローブと同様でよい。本発明に使用される消光プローブの塩基配列の例としては、配列番号8～12に示すものが挙げられる。蛍光色素としては、特許文献1に記載されたものが使用できるが、具体例としては、FAM(商標)、TAMRA(商標)、BODIPY(商標) FL等が挙げられる。蛍光色素のオリゴヌクレオチドへの結合方法は、通常の方法、例えば特許文献1に記載の方法に従って行うことができる。

【0021】

本発明検出方法は、一塩基多型の部位を有する核酸について、蛍光色素で標識された核酸プローブを用いて、蛍光色素の蛍光を測定することにより融解曲線分析を行い、融解曲線分析の結果に基づいて変異を検出する方法であって、一塩基多型は、B3AR Trp64Arg変異であり、核酸プローブは本発明プローブであることを特徴とする。

【0022】

本発明検出方法は、B3ARをコードするDNAのB3AR Trp64Arg変異を含む領域を増幅すること、及び、本発明プローブを用いることの他は、通常の核酸増幅及び融解曲線分析（Tm解析）の方法に従って行うことができる。

【0023】

核酸増幅の方法としては、PCRポリメラーゼを用いる方法が好ましく、その例としては、PCR、ICAN、LAMP等が挙げられる。PCRポリメラーゼを用いる方法により増幅する場合は、本発明プローブの存在下で増幅を行うことが好ましい。用いるプローブに応じて、増幅の反応条件等を調整することは当業者であれば容易である。これにより、核酸の増幅後にプローブのTmを解析するだけなので、反応終了後増幅産物を取り扱う必要がない。よって、増幅産物による汚染の心配がない。また、増幅に必要な機器と同じ機器で検出することが可能なので、容器を移動する必要すらない。よって、自動化も容易である。

【0024】

以下、PCRを用いる場合を例として、さらに説明する。PCRに用いるプライマー対は、本発明プローブがハイブリダイゼーションできる領域が増幅されるようにする他は、通常のPCRにおけるプライマー対の設定方法と同様にして設定するこ

とができる。プライマーの長さ及びTmは、通常には、10mer～40merで40～70℃、好ましくは15mer～25merで55～60℃である。プライマー対の各プライマーの長さは同一でなくてもよいが、両プライマーのTmはほぼ同一（通常には、相違が2℃以内）であることが好ましい。なお、Tm値は最近接塩基対(Nearest Neighbor)法により算出した値である。プライマー対の例としては、配列番号2及び3に示す塩基配列を有するプライマーからなるものが挙げられる。

【0025】

PCRは、本発明で使用される本発明プローブの存在下で行うことが好ましい。これにより、增幅反応終了後に增幅産物を取り扱う操作を行うことなくTm解析を行うことができる。用いるプローブに応じて、プライマーのTmやPCRの反応条件を調整することは当業者であれば容易である。

【0026】

代表的なPCR反応液の組成を挙げれば、以下の通りである。

【0027】

【表1】

DNA断片	10 ¹ ～10 ⁸ 分子／反応
プライマー	200～1000M
プローブ	100～1000nM
ヌクレオチド	各20～200μM
DNAポリメラーゼ	0.01～0.03単位／μl
Tris-HCl(pH 8.4～9.0)	5～20mM
MgCl ₂	1.5～3mM
KCl	10～100mM
グリセロール	0～20%

(最終液量：10～100μl)

【0028】

また、代表的な温度サイクルを挙げれば、以下の通りであり、この温度サイクルを通常25～40回繰り返す。

(1) 変性、90～98℃、1～60秒

(2) アニーリング、60~70℃、10~60秒

(3) 伸長、60~75℃、10~180秒

【0029】

アニーリング及び伸長を一ステップで行う場合には、60~70℃、10~180秒の条件が挙げられる。

【0030】

Tm解析は、本発明プローブの蛍光色素の蛍光を測定する他は通常の方法に従つて行うことができる。蛍光の測定は、蛍光色素に応じた波長の励起光を用い発光波長の光を測定することに行うことができる。Tm解析における昇温速度は、通常には、0.1~1℃/秒である。Tm解析を行うときの反応液の組成は、プローブとその塩基配列に相補的な配列を有する核酸とのハイブリダイゼーションが可能であれば特に制限されないが、通常には、一価の陽イオン濃度が1.5~5 mM、pHが7~9である。PCR等のDNAポリメラーゼを用いる增幅方法の反応液は、通常、この条件を満たすので、増幅後の反応液をそのままTm解析に用いることができる。

【0031】

Tm解析の結果に基づくB3AR Trp64Arg変異の検出は通常の方法に従つて行うことができる。本発明における検出とは、変異の有無の検出の他、変異型DNAの定量、野生型DNAと変異型DNAの割合の測定も包含する。

【0032】

<2>本発明キット

本発明キットは、本発明の検出方法に用いるためのキットである。このキットは、末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブ（消光プローブ）であって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8~30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7~30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている核酸プローブを含むことを特徴とする。

【0033】

消光プローブについては、本発明プローブに関し、上記に説明した通りである

【0034】

本発明検出キットは、消光プローブの他に、本発明の検出方法における核酸増幅を行うのに必要とされる試薬類、特にDNAポリメラーゼを用いる増幅のためのプライマーをさらに含んでいてもよい。

【0035】

本発明検出キットにおいて消光プローブ、プライマー及びその他の試薬類は、別個に収容されていてもよいし、それらの一部が混合物とされていてもよい。

【0036】**【実施例】**

以下に、本発明を実施例により具体的に説明する。

【0037】**【実施例1】**

ヒトB3AR遺伝子のTrp64Arg変異の部位を含む塩基配列（配列番号1）に基づき、Trp64Arg変異を含む部分を増幅できるように表2に示すプライマーを設計した。表2中、位置は、配列番号1に示す塩基配列における塩基番号を示す。

【0038】**【表2】**

プライマー

名称	配列(5'→3')	mer	位置	配列番号
R	gccagcgaagtcacgaacac	20	239-220	3
F	ggcgctggcggtgc	14	132-145	4

【0039】

次に、表3に示す、末端部にCを有するプローブを設計した。表3中、位置は、配列番号1に示す塩基配列における塩基番号を示す。また、塩基配列中の大文字は、B3AR Trp64Arg変異の部位を示し、3'末端の(P)は、リン酸化されていることを示す。BODIPY(商標) FL又はTAMRA(商標)による標識は、常法に従って行った。

【0040】

【表3】

プローブ

名称	配列(5'→3')	mer	位置	配列番号
5FL-mt-4-16 (BODIPY FL)-ccatcgccCggactcc-(P)		16	182-197	5
3T-mt-4-16 ccatcgccCggactcc-(TAMRA)		16	182-197	5
5FL-mt-4-19 (BODIPY FL)-ccatcgccCggactccgag-(P)		19	182-200	6
3T-mt-3-19 gtcatcgtggccatcgccC-(TAMRA)		19	172-190	7
3T-mt-2-20 cgtggccatcgccCggactc-(TAMRA)		20	177-196	8
5FL-wt-1-20 (BODIPY FL)-catcgccTggactccgagac-(P)		20	183-202	9
5FL-wt-1-18 (BODIPY FL)-catcgccTggactccgag-(P)		18	183-200	10
5FL-wt-1-16 (BODIPY FL)-catcgccTggactccg-(P)		16	183-198	11
5FL-wt-1-15 (BODIPY FL)-catcgccTggactcc-(P)		15	183-197	12

【0041】

ゲノムDNAをサンプルとして、Smart Cycler System (Cephied)を用い、以下の条件でPCR及びTm解析を行った。Tm解析における励起波長及び検出波長は、それぞれ450～495 nm及び505～537 nm (BODIPY FL)、527～555 nm及び565～605 nm (TAMRA) であった。

【0042】

【表4】

反応液組成

H ₂ O	13.2 μL
10×Gene Taqバッファー	2.5 μL
80% グリセロール	6.25 μL
各10mM dATP, dUTP, dGTP, dCTP	0.5 μL
2U/μL ウラシル-N-グリコシラーゼ	0.05 μL
5 μM プローブ	1 μL
100 μM プライマーF	0.125 μL
100 μM プライマーR	0.25 μL
5U/μL Gene Taq	0.125 μL

サンプル (0~2000コピー)	1 μ L
合計	25 μ L

【0043】

【表5】

反応条件

50°C, 2min

↓

95°C, 2min

↓

95°C, 1sec

66°C, 18sec (50cycles)

↓

Tm解析 (1°C/sec)

【0044】

各プローブを用いてPCR及びTm解析を行った結果、プローブ3T-mt-2-20、5FL-wt-1-20、5FL-wt-1-18、5FL-wt-1-16及び5FL-wt-1-15を用いたときのみ、Tm解析で解析の可能な蛍光強度の変化が認められた。なお、各プローブのB3AR Trp64Ar変異を含む塩基配列に対する配置を図1及び2に示す。図中、Wild配列及びmutant配列は、それぞれ配列番号1及び2の塩基配列の塩基番号171～205である。また、図中、Fは蛍光色素を示す。図1及び2に示す配置からみて、プローブがTm解析で使用できるかどうかは、蛍光色素を結合させたCの位置に依存すると考えられ、プローブの長さは、多型部位を含む限り、あまり重要でないと考えられる。

【0045】

以下、プローブ5FL-wt-1-16を用いて、ゲノムDNAの絶対量に関する感度、及び、再現性を検討した。

【0046】

ゲノムDNA（野生型）をそれぞれ、0、20、200及び2000コピー含むサンプルを用いて、上記の方法を繰り返した。結果を図3に示す。図3から明らかなように

、20コピーであっても検出可能であることが示された。

【0047】

次に、変異型の塩基配列（配列番号2に示す塩基配列）を有するゲノムDNAを調製した。野生型ゲノムDNAとこの変異型ゲノムDNAとを混合したサンプル(wt/mt)を10個調製し、野生型ゲノムDNAのみのサンプル(wt/wt)及び変異型ゲノムDNAのみのサンプル(mt/mt)とともに、上記の方法を繰り返した。結果を図4に示す。図4から明らかなように、本方法は再現性に優れることが示された。

【0048】

さらに、プローブ5FL-wt-1-16の代わりにプローブ3T-mt-2-20を用いて同様にゲノムDNAの絶対量に関する感度、及び、再現性を検討した。結果を図5及び6に示す。図5及び6から明らかなように、高感度で再現性に優れることが示された。

【0049】

なお、図3～6において縦軸は、蛍光強度の一次導関数の逆符号の値(-dF/dt)、横軸は温度(℃)である。

【0050】

【発明の効果】

本発明によれば、B3AR Trp64Arg変異を検出するのに有効な消光プローブが提供され、さらに、それを用いるB3AR Trp64Arg変異を検出する方法及びそのためのキットが提供される。Tm解析は数十秒で完了するため、検出に必要な時間が大幅に短略化出来る。プローブの存在下での核酸の增幅とTm解析を組み合わせる本発明の好ましい態様によれば、核酸の增幅後にプローブのTmを解析するだけなので、反応終了後増幅産物を取り扱う必要がない。よって、増幅産物による汚染の心配がない。また、さらに、増幅に必要な機器と同じ機器で検出することが可能なので、容器を移動する必要すらない。よって、自動化も容易である。

【0051】

【配列表】

<110> アークレイ株式会社(Arkray, Inc.)

<120> β3アドレナリン受容体変異遺伝子の検出法ならびにそのための核酸プローブおよびキット

<130> P-B0926

<160> 12

<210> 1

<211> 1227

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> allele

<222> 190

<400> 1

atggctccgt ggcctcacga gaacagctct cttgccccat ggccggacct ccccaccctg	60
gcgcccaata ccgccaacac cagtggcgtg ccaggggttc cgtggaggc ggccctagcc	120
ggggccctgc tggcgctggc ggtgctggcc accgtggag gcaacctgct ggtcatcgtg	180
gccatcgccct ggactccgag actccagacc atgaccaacg tggcgtgac ttgcgtggcc	240
gcagccgacc tggtgatggg actcctggtg gtgccgcgg cggccacctt ggccgtgact	300
ggccactggc cggtggcgc cactggctgc gagctgtgga cctcggtgga cgtgctgtgt	360
gtgaccgcca gcatcgaaac cctgtgcgcc ctggccgtgg accgctacct ggctgtgacc	420
aacccgctgc gttacggcgc actggtcacc aagcgctgcg cccggacagc tgtggcctg	480
gtgtgggtcg tgtcgccgc ggtgtcggtt gcgcctatca tgagccagtgt ggccgtgta	540
ggggccgacg ccgaggcgca gcgcgtccac tccaaaccgc gctgctgtgc cttgcctcc	600
aacatgccct acgtgctgct gtcctcctcc gtctcctct accttcctt tctcgatgt	660
ctcttcgtct acgcgcgggt tttcggtg gctacgcgcc agctgcgtt gctgcgcggg	720

gagctgggcc	gctttccgccc	cgaggagtct	ccgccccgc	cgtcgcgctc	tctggccccc	780
gccccgggtgg	ggacgtgcgc	tccgcccga	gggggtgcccc	cctgcggccg	gcggcccg	840
cgcctcctgc	ctctccggga	acaccgggc	ctgtcacct	tgggtctcat	catggcacc	900
ttcactctct	gctgggtgcc	tttcttctg	gccaacgtgc	tgcgcgcct	ggggggcccc	960
tctctagtcc	cgggccccggc	tttccttgcc	ctgaactggc	taggttatgc	caattctgcc	1020
ttcaacccgc	tcatctactg	ccgcagcccg	gacttcgca	gcgccttccg	ccgtcttctg	1080
tgccgctg	gccgtcgcc	gcctccggag	ccctgcgc	ccgccccccc	ggcccttcc	1140
ccctcggcg	ttcctgcggc	ccggagcagc	ccagcgcagc	ccaggcttgc	ccaacggctc	1200
gacggggctt	tttggggagt	ttcttag				1227

<210> 2

<211> 1227

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> allele

<222> 190

<400> 2

atggctccgt	ggcctcacga	gaacagctct	tttgc	ccccat	ggccggacct	ccccaccctg	60
gccc	aaata	ccgccaacac	cagtggctg	ccaggggttc	cgtggaggc	ggcccttagcc	120
ggggcc	ctgc	tggcgctggc	ggtgctggcc	accgtggag	gcaacctgct	gtcatcg	180
gccatcg	ccc	ggactccgag	actccagacc	atgaccaacg	tgttcgtgac	ttcgctggcc	240
gcagcc	gacc	tggtgatggg	actcctggtg	gtgccgc	cggccac	tttgc	300
ggccact	ggc	cgttggcgc	cactggctgc	gagctgtg	gat	cgtgtgtgt	360
gtgacc	gcca	gcatcgaaac	cctgtgc	ctggccgtgg	accgctac	cttgcgtgacc	420
aacc	cgctgc	gttacggcgc	actggtcacc	aagcgctgcg	cccggac	tgtggtc	480
gtgtgg	tcg	tgtcg	ccgc	atca	tgagcc	gtggcgcgt	540

ggggccgacg ccgaggcgca gcgcgtccac tccaacccgc gctgctgtgc cttcgctcc	600
aacatgccct acgtgctgct gtcctcctcc gtctccttct accttcctct tctcgtgatg	660
ctcttcgtct acgcgcgggt tttcggtg gctacgcgcc agctgcgtt gctgcgcggg	720
gagctgggcc gctttccgccc cgaggagtct ccgcggccgc cgtcgcgtc tctggccccg	780
gccccgggtgg ggacgtgcgc tccgcccga ggggtgccccg cctgcggccgc gcggcccg	840
cgcctcctgc ctctccggga acaccgggcc ctgtgcacct tgggtctcat catgggcacc	900
ttcactctct gctgggtgcc cttcttctg gccaaacgtgc tgcgccctt ggggggcccc	960
tctctagtcc cgggcccggc ttccttgcc ctgaactggc tagtttatgc caattctgcc	1020
ttcaacccgc tcatactactg ccgcagcccg gactttcgca gcgccttccg ccgtcttctg	1080
tgccgctgctg gccgtcgctt gcctccggag ccctgcgccg ccgcggccccc ggccctttc	1140
ccctcggcgc ttccctgcggc ccggagcagc ccagcgcagc ccaggcttg ccaacggctc	1200
gacggggctt cttggggagt ttcttag	1227

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> primer

<400> 3

gccagcgaag tcacgaacac 20

<210> 4

<211> 14

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> primer

<400> 4

ggcgctggcg gtgc

14

<210> 5

<211> 16

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe.

<400> 5

ccatcgcccg gactcc

16

<210> 6

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 6

ccatcgcccg gactccgag

19

<210> 7

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 7

gtcatcggtgg ccatcgcccc 19

<210> 8

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 8

cgtggccatc gcccggactc 20

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 9

catgcctgg actccgagac

20

<210> 10

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 10

catgcctgg actccgag

18

<210> 11

<211> 16

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 11

catgcctgg actccg

16

<210> 12

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe

<400> 12

catcgctgg actcc 15

【図面の簡単な説明】

【図1】 変異の識別不可能な消光プロープの位置を示す。

【図2】 変異の識別可能な消光プロープの位置を示す。

【図3】 実施例1の方法(プロープ5FL-wt-1-16使用)のゲノムDNAの絶対量に関する感度を示す。

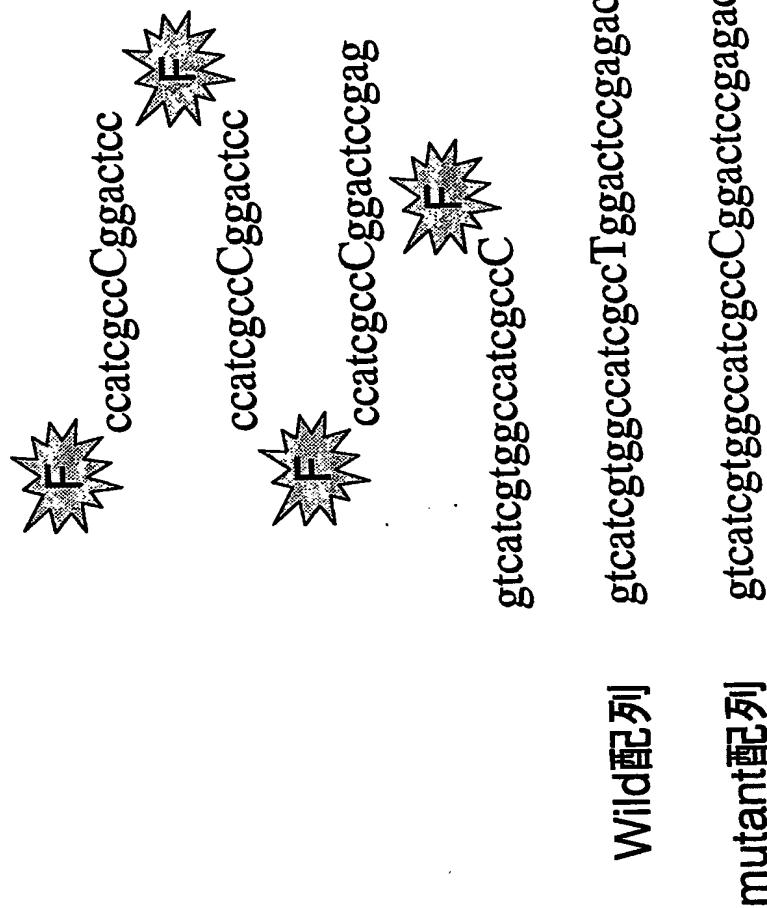
【図4】 実施例1の方法(プロープ5FL-wt-1-16使用)の再現性を示す。

【図5】 実施例1の方法(プロープ3T-mt-2-20使用)のゲノムDNAの絶対量に関する感度を示す。

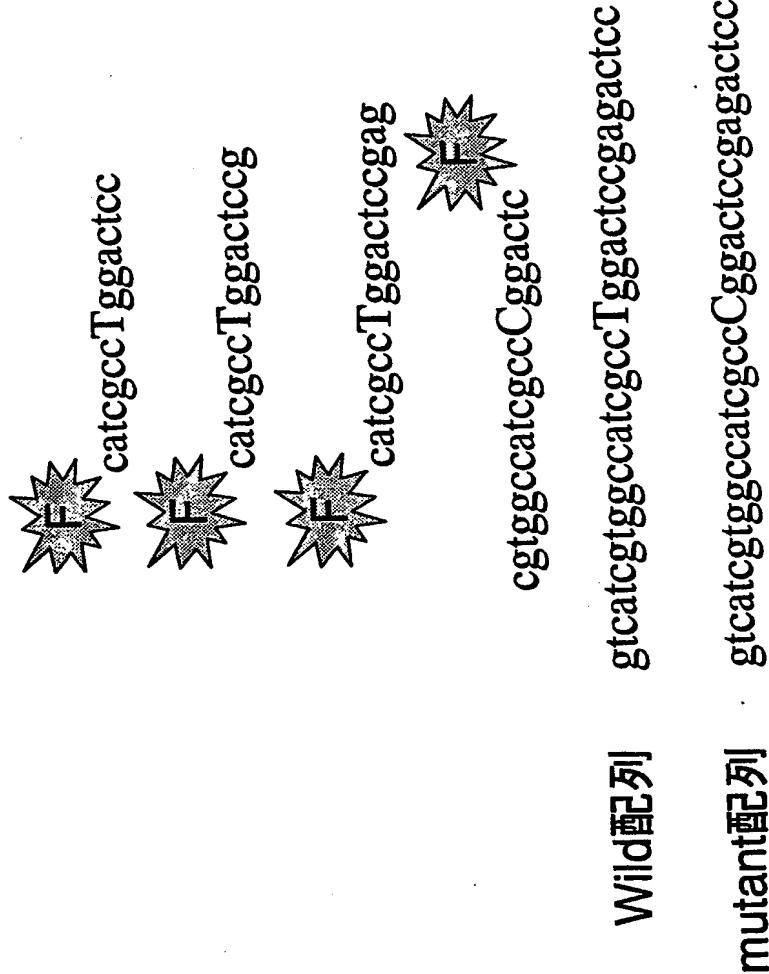
【図6】 実施例1の方法(プロープ3T-mt-2-20使用)の再現性を示す。

【書類名】 図面

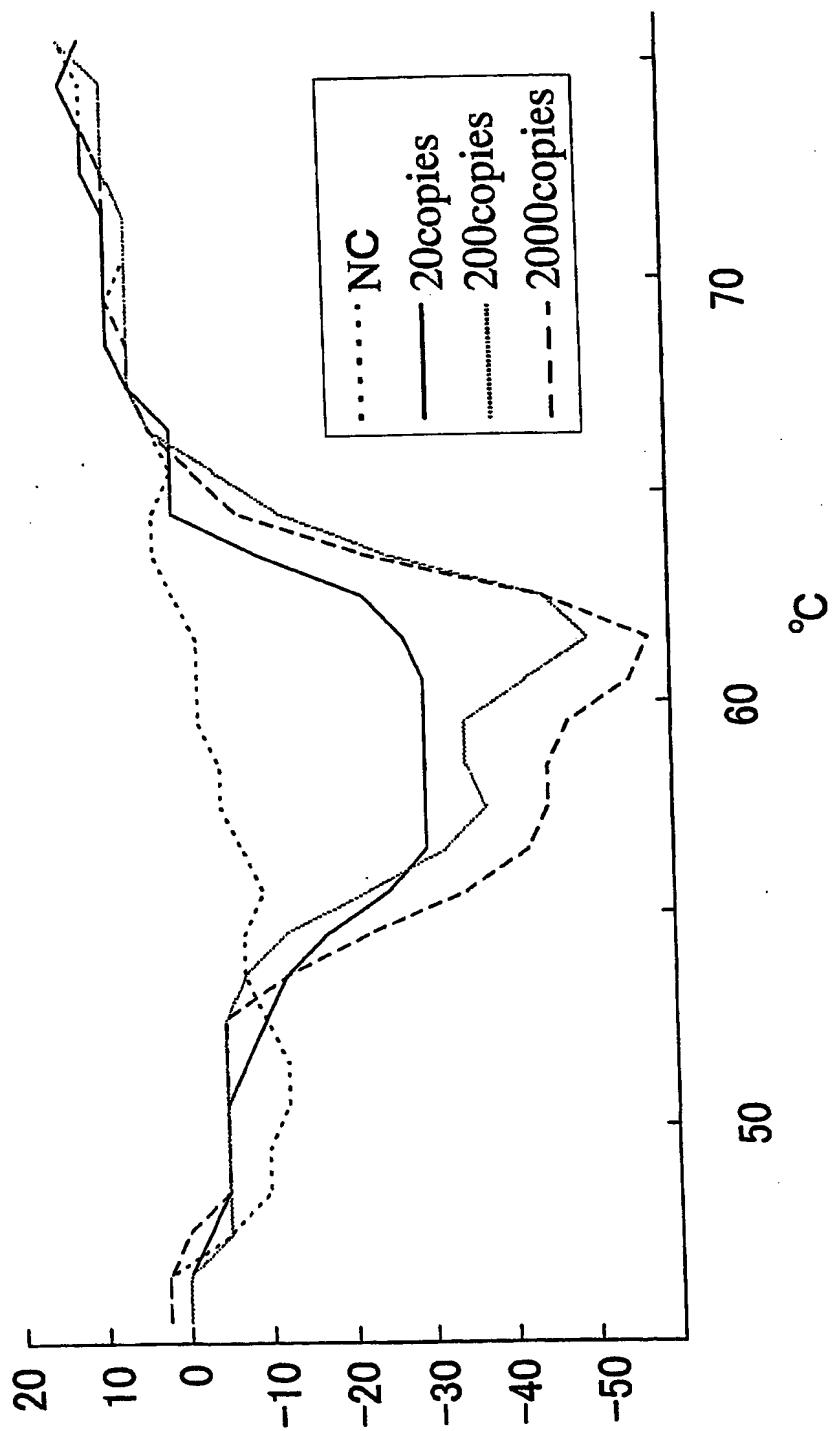
【図 1】



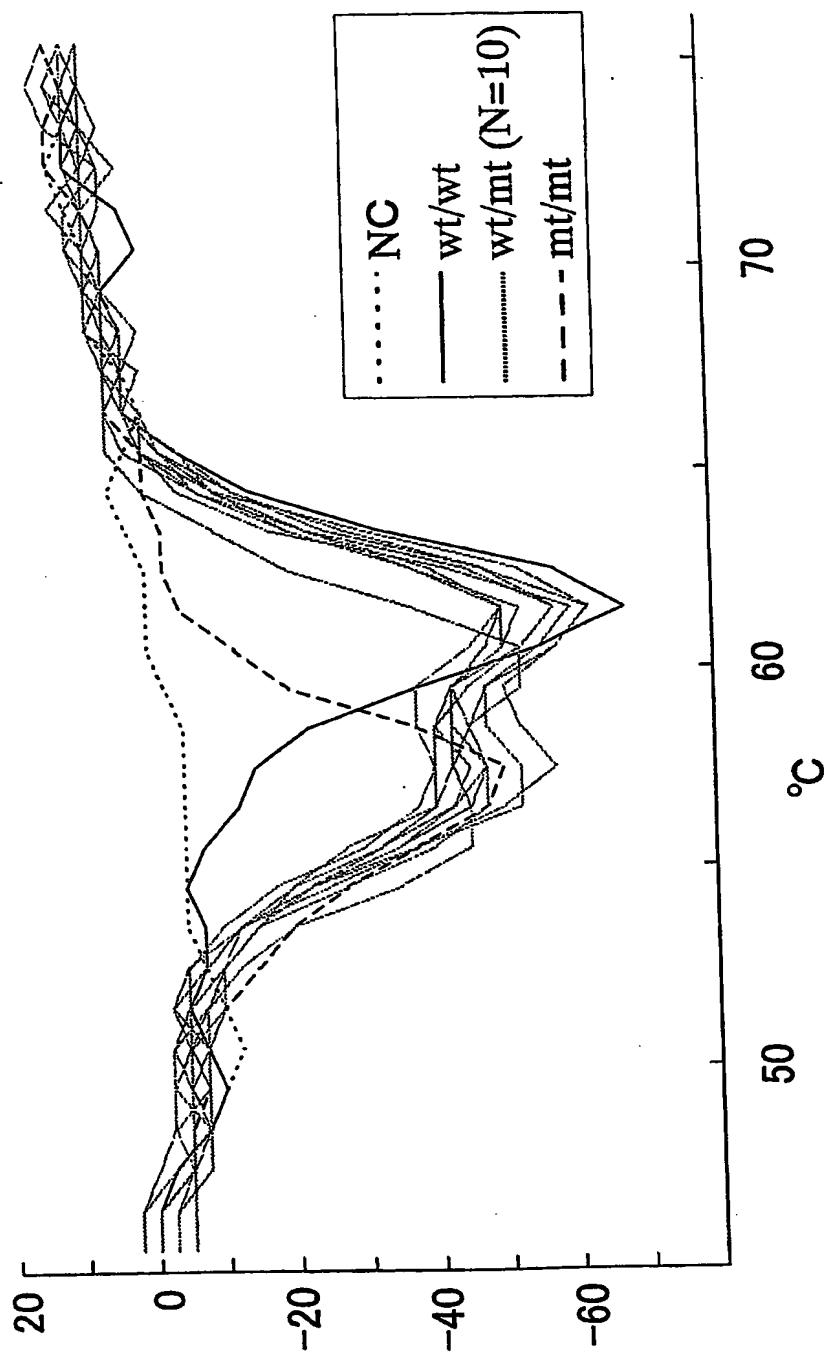
【図2】



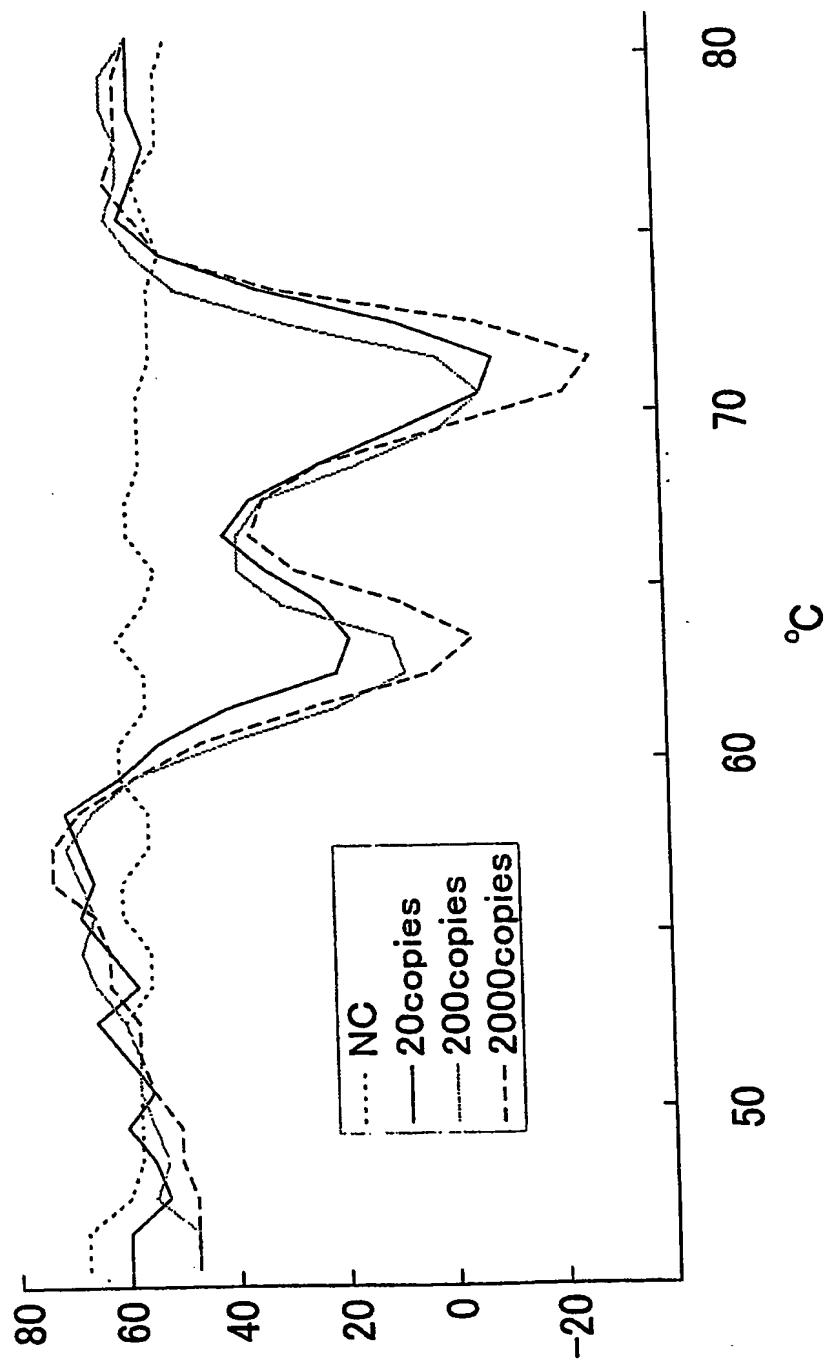
【図3】



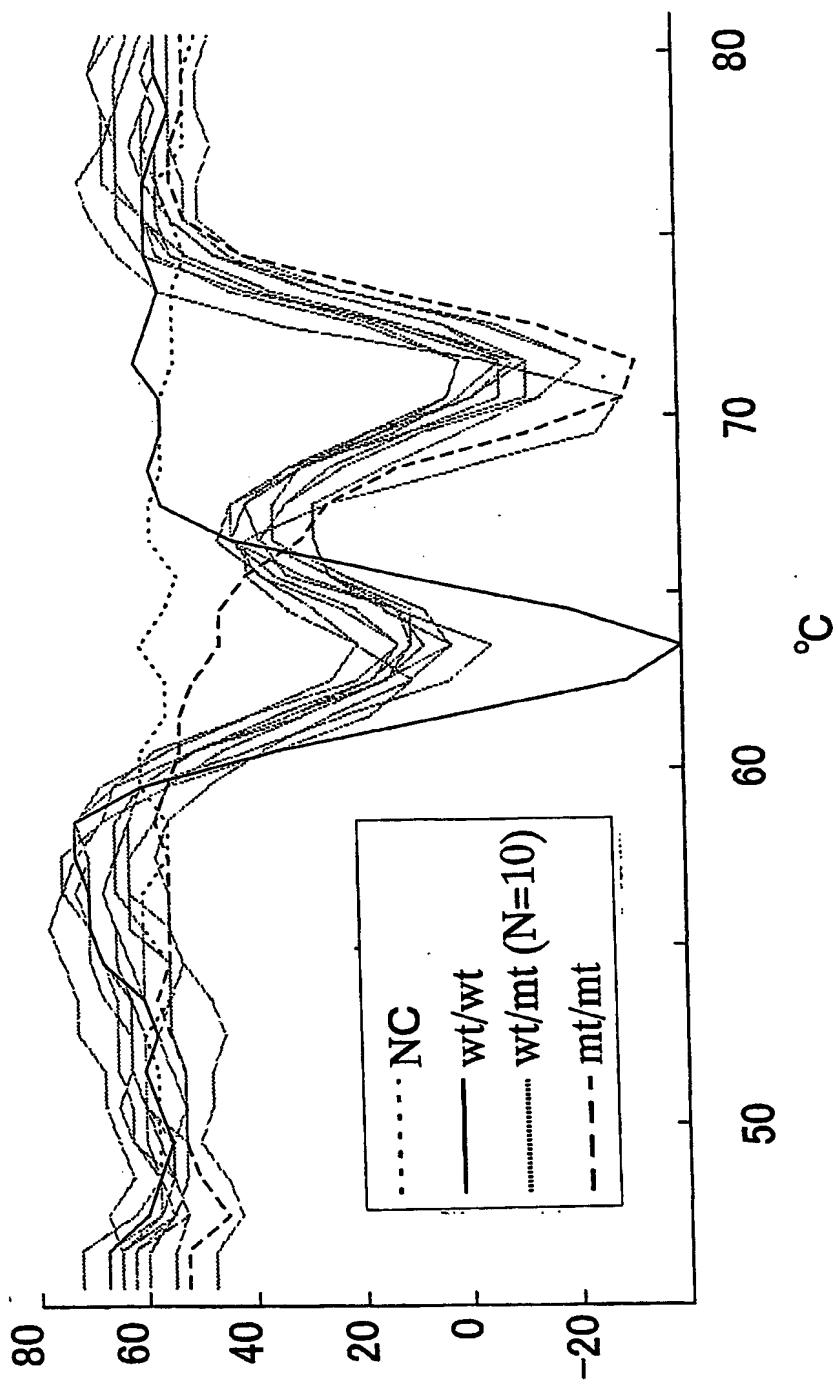
【図4】



【図5】



【図6】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 β_3 アドレナリン受容体のアミノ酸配列の64位のトリプトファンがアルギニンに置換する変異をもたらす塩基配列の変異 (B3AR Trp64Arg変異) を検出する方法を提供する。

【解決手段】 B3AR Trp64Arg変異を含む領域をPCRで増幅し、末端が蛍光色素で標識され、ハイブリダイゼーションしたときに蛍光色素の蛍光が減少する核酸プローブであって、配列番号1に示す塩基配列において塩基番号183から始まる8～30塩基長の塩基配列を有し、5'末端が蛍光色素で標識され、または、配列番号2に示す塩基配列において塩基番号196で終わる7～30塩基長の塩基配列を有し、3'末端が蛍光色素で標識されている核酸プローブを用いて、蛍光色素の蛍光を測定することにより融解曲線分析を行い、融解曲線分析の結果に基づいて変異を検出する。

【選択図】 図5

特願2003-114381

出願人履歴情報

識別番号 [000141897]

1. 変更年月日 2000年 6月12日

[変更理由] 名称変更

住 所 京都府京都市南区東九条西明田町57番地
氏 名 アークレイ株式会社